

PERFIL DE RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS DE BACTÉRIAS ISOLADAS DE RESÍDUOS ANIMAIS

IX Reunião Anual de Iniciação Científica da UFRRJ (RAIC 2021/2022) e III Reunião Anual de Iniciação em Desenvolvimento Tecnológico e Inovação (RAIDTec 2021/2022) - UFRRJ, 0ª edição, de 15/05/2023 a 19/05/2023
ISBN dos Anais: 978-65-5465-041-0

SALDANHA; Gustavo Rodrigues¹, FERREIRA; Paula Fernanda Alves², XAVIER; Julia Ferreira Xavier³, NUNES; Juliana Ferreira Nunes⁴, SOUZA; Miliane Moreira Soares de⁵, COELHO; Shana Mattos de Oliveira⁶, COELHO; Irene Silva⁷

RESUMO

Resíduos provenientes da produção animal são promissores para serem utilizados como fertilizante orgânico na produção agrícola. Apesar desta prática ser uma alternativa sustentável para a disposição desses resíduos, estes podem conter microrganismos patogênicos e determinantes de resistência a antimicrobianos e, quando utilizados na agricultura, podem favorecer a disseminação de resistência para bactérias patogênicas e comensais de humano e animais, constituindo um grave potencial de ameaça para a saúde pública. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o perfil fenotípico de resistência a antimicrobianos de dez isolados provenientes de resíduos animais. Cepas bacterianas foram isoladas de cama de aviário e de cavalo. Após isoladas, as cepas foram previamente identificadas pela técnica MALDI-TOF e, em seguida, foi realizada a detecção da resistência aos antimicrobianos das classes dos aminoglicosídeos (gentamicina), β -lactâmicos (amoxicilina + ácido clavulânico, ampicilina, aztreonam, cefepime, cefoxitina, ceftazidima e imipenem), fluoroquinolona (ciprofloxacina), sulfonamida (sulfametoxazol + trimetoprim) e tetraciclina pelo método de difusão em disco e, pela amplificação dos genes que conferem resistência aos antimicrobianos β -lactâmicos (*bla*_{ampC}, *bla*_{CTX-M}, *bla*_{TEM}, *bla*_{SHV}, *bla*_{OXA-23}, *bla*_{OXA-24}, *bla*_{OXA-51} e *bla*_{OXA-58}), colistina (*mcr-1* e *mcr-3*), fluoroquinolona (*qnrA* e *qnrB*), sulfonamida (*sulI* e *sulII*) e tetraciclina (*tetB*) através da técnica de PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Foram identificadas duas *Escherichia coli* e oito *Proteus mirabilis*. Na detecção fenotípica, todos os isolados apresentaram resistência a mais de três classes de antimicrobianos, sendo considerados multirresistentes. Isolados multirresistentes representam um sério risco à saúde pública por diminuir as opções terapêuticas em um processo infeccioso podendo causar um aumento no tempo de internação, aumento de procedimentos evasivos e de morbimortalidade. Para elucidar quais os possíveis mecanismos relacionados à resistência, foi realizada a detecção de genes de resistência. Dos 15 genes testados, *bla*_{TEM}, *bla*_{OXA-24}, *qnrA* e *qnrB* não foram detectados em nenhum dos isolados. Nos isolados de *Escherichia coli* foram detectados genes que conferem resistência a todas as classes de antimicrobianos testadas, exceto a fluoroquinolona. Dos oito isolados de *P. mirabilis*, apenas três apresentaram genes de resistência. Nestes, foram detectados somente os genes *bla*_{OXA-51} e *bla*_{OXA-23}, que conferem resistência aos β -lactâmicos. Nos outros cinco isolados de *Proteus* não foram detectados genes de resistência, apesar de ter sido detectado a resistência fenotípica. Isso pode ter ocorrido pela falta de especificidade dos *primers* selecionados. Os resultados obtidos confirmam que isolados provenientes de resíduos animais contém determinantes de resistência a antimicrobianos e sua utilização na agricultura pode apresentar um risco à saúde pública. Dessa forma, é necessário o desenvolvimento de estratégias de manejo que visem a redução e/ou eliminação desses contaminantes de modo que garanta sua utilização segura na agricultura.

PALAVRAS-CHAVE: cama de aviário, cama de cavalo, multirresistência, antibióticos

¹ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, gustavosalda@ufrrj.br

² Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, paula.fat@hotmail.com

³ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, julia.f.xavier@outlook.com

⁴ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, jufnunes2@gmail.com

⁵ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, milianemss@gmail.com

⁶ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, shana_mattos@hotmail.com

⁷ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, irenecs@yahoo.com

¹ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, gustavosaldaña@ufrj.br
² Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, paula.fat@hotmail.com
³ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, julia.f.xavier@outlook.com
⁴ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, jufnunes2@gmail.com
⁵ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, milianemss@gmail.com
⁶ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, shana_mattos@hotmail.com
⁷ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. CEP: 23890-000. Seropédica, RJ, irenecs@yahoo.com